Las comunidades bacterianas responden al cambio de uso del suelo en el chaco

Bacterial community response to land- use change in chaco region

*Silberman, J.[1,2,3,4]; Albanesi, A. [3] ; Grasso, D.[2,5]

[1] CONICET [2] Instituto de Suelos INTA Castelar [3] Universidad Nacional de Santiago del Estero

[4] Universidad Nacional de La Plata

(5) Universidad Nacional de Quilmes

* Autor de contacto: jsilberman@cnia.inta.gov.ar; Reseros y las Cabañas s/n (Hurlingham); 011-46211448

RESUMEN

La transformación de fachinales a sistemas silvopastoriles es una alternativa para incrementar la producción ganadera en el Chaco semiárido. El cambio del uso del suelo, y el creciente reconocimiento de la necesidad de mejorar la sostenibilidad de las prácticas agropecuarias, ha llevado a la adopción generalizada de los procesos de mínimo impacto. Por lo tanto, para garantizar que este disturbio es compatible con la conservación del suelo se requiere del estudio de sus efectos para detectar la magnitud de su impacto. En este sentido reviste vital importancia el componente microbiano, ya que los microorganismos cumplen diversos roles en el funcionamiento de los ecosistemas, por ello es deseable incrementar la biodiversidad de la biota del suelo responsable de las funciones ecosistémicas claves. Sin embargo, la complejidad de las comunidades microbianas del suelo hace difícil predecir de qué forma impactan los distintos factores abióticos en los agroecosistemas. El objetivo de este trabajo fue monitorear los cambios en la estructura de las comunidades microbianas del suelo, en sistemas silvopastoriles del Chaco semiárido. Se empleó un ensayo localizado en E.E.A. INTA Santiago del Estero. El experimento es llevado a cabo con un diseño completamente aleatorizado con dos tratamientos y tres repeticiones. Los tratamientos fueron: Testigo (T), monte nativo fachinal improductivo y Silvopastoril (SP), habilitado por rolado de fachinal

con dos pasadas de rolo en 45º (en 2007) y siembra de *Panicum maximun cv gatton panic* mas un pastoreo controlado por año (1,1 EV ha-1). El factor cobertura estuvo representado por Qc, suelo bajo la cobertura de quebracho colorado (*Schinopsis lorentzii*); Qb, suelo bajo la cobertura de quebracho blanco (*Aspidosperma quebracho blanco*); M, suelo bajo la cobertura de mistol (*Ziziphus mistol*). El muestreo de suelo se realizó a 0- 15 cm de profundidad en marzo de 2012. Se evaluaron las comunidades bacterianas mediante la extracción de ADN metagenómico de suelo y análisis del ADNr 16S a través del procedimiento TRFLP (*Terminal Restriction Fragment Lenght Polymorphism*). El análisis de los resultados alcanzados hasta el momento permite evidenciar que a los cinco años de la transformación de un fachinal en sistema silvopastoril, se ha generado un cambio en la composición de las comunidades microbianas del suelo, presentando una mayor diversidad en el sistema SP. Es decir que habría una correlación con el cambio en la estructura de la vegetación y con el carbono del suelo (datos no mostrados). Por otra parte, en SP las comunidades son diferentes entre especies arbóreas, este comportamiento no se detecta en T debido probablemente a la heterogeneidad natural. Actualmente se está profundizando el estudio de diversidad abarcando otros grupos (Hongos y arqueobacterias). Complementándolo con la determinación de perfiles fisiológicos, actividades enzimáticas y fracciones de carbono orgánico.

Palabras clave:

TRFLP, ADN suelo, rolado selectivo

Key words:

TRFLP, DNA soil, roller chopping

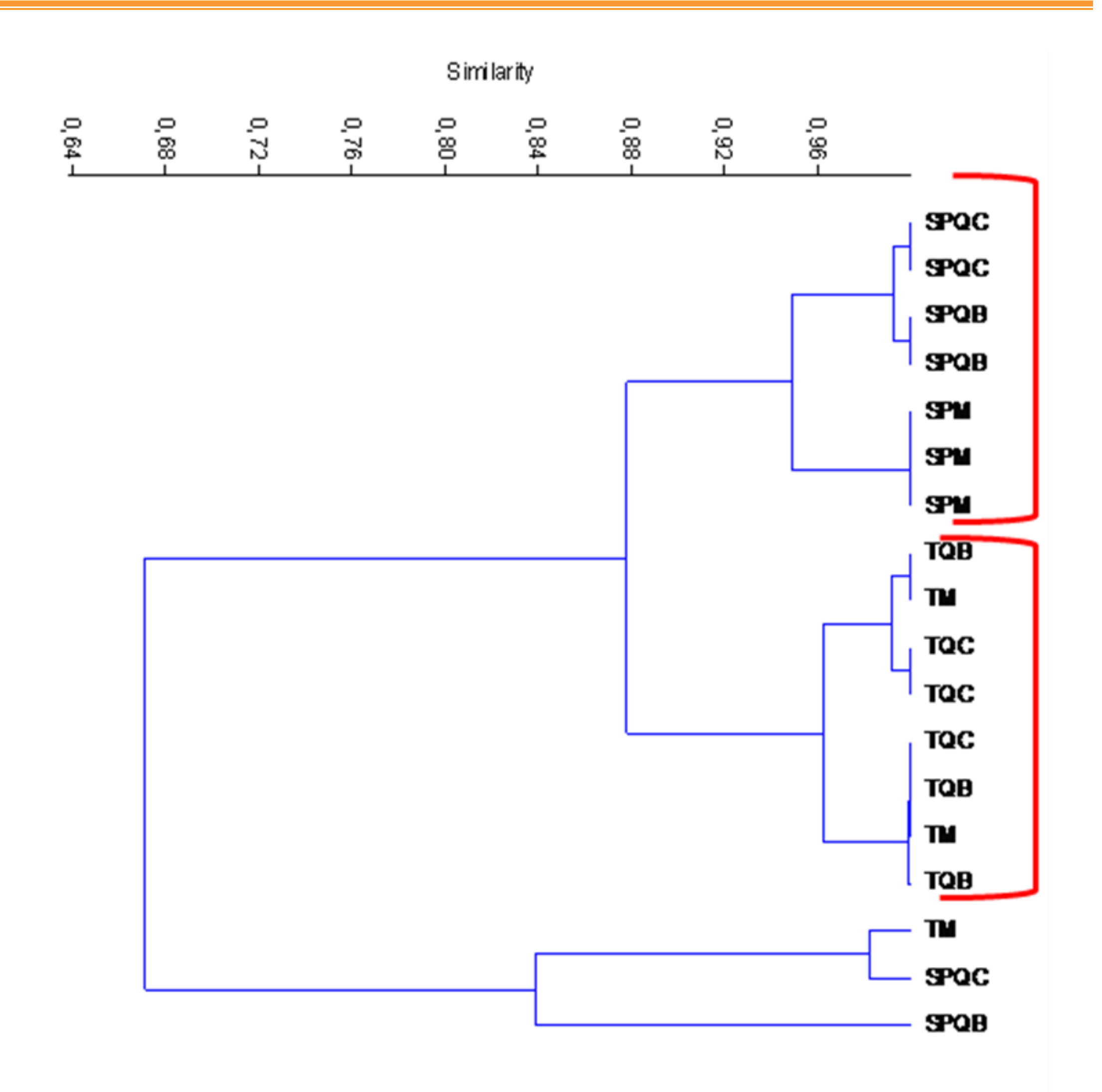


Figura 1. Dendograma construido en base a la similitud de los perfiles TRFLP

Tabla. Índices de diversidad para los diferentes tratamientos. Letras diferentes indican diferencias estadísticamente significativas (p < 0,05)

Trat	Shanon	Riqueza	Equitatividad	Simpson
SP	2,96 b	30 a	0,88 a	0,94 a
T	2,71 a	22,17 a	0,88 a	0,93 a